



maxis 4G

● 全灵敏度高分辨质谱——完美性能

创新·诚信

UHR-TOF MS

卓越的性能



面向广泛的分析应用领域，maXis™ 超高分辨飞行时间质谱技术定义了业界高分辨串联质谱技术的新标准。

全灵敏度高分辨质谱仪maXis 4G，进一步提升了maXis系列质谱的性能水准。无论是MS还是MS/MS，maXis 4G的质量准确度和分辨率都有了显著提高，伴随着无与伦比的灵敏度和速度，在分析和鉴定小分子化合物、蛋白质和完整大分子（如抗体）等应用领域，具有前所未有的可信度。

高性能质谱的新定义

- 在所有模式下都具有优异的分辨率和质量准确度
- 全灵敏度高分辨质谱技术
- 广泛的应用领域，无论是小分子还是大分子
- 与超快速液相色谱分离技术完全匹配
- 直观易用的仪器控制和数据分析软件
- 可靠，稳定和方便的维护平台

“我们实验室中四台 maXis 是我们所有质谱仪器中不可或缺的设备。在代谢组学研究中，maXis可为气相色谱、毛细管电泳和液相色谱等分离平台提供高分辨和高质量准确度的数据。另外，其中一台maXis用于蛋白组学的研究，发挥了至关重要的作用。我们将更新现有的maXis为新一代的maXis 4G，这一更新将会进一步提升数据质量，以满足临床的代谢组学和蛋白质组学研究的需要。”

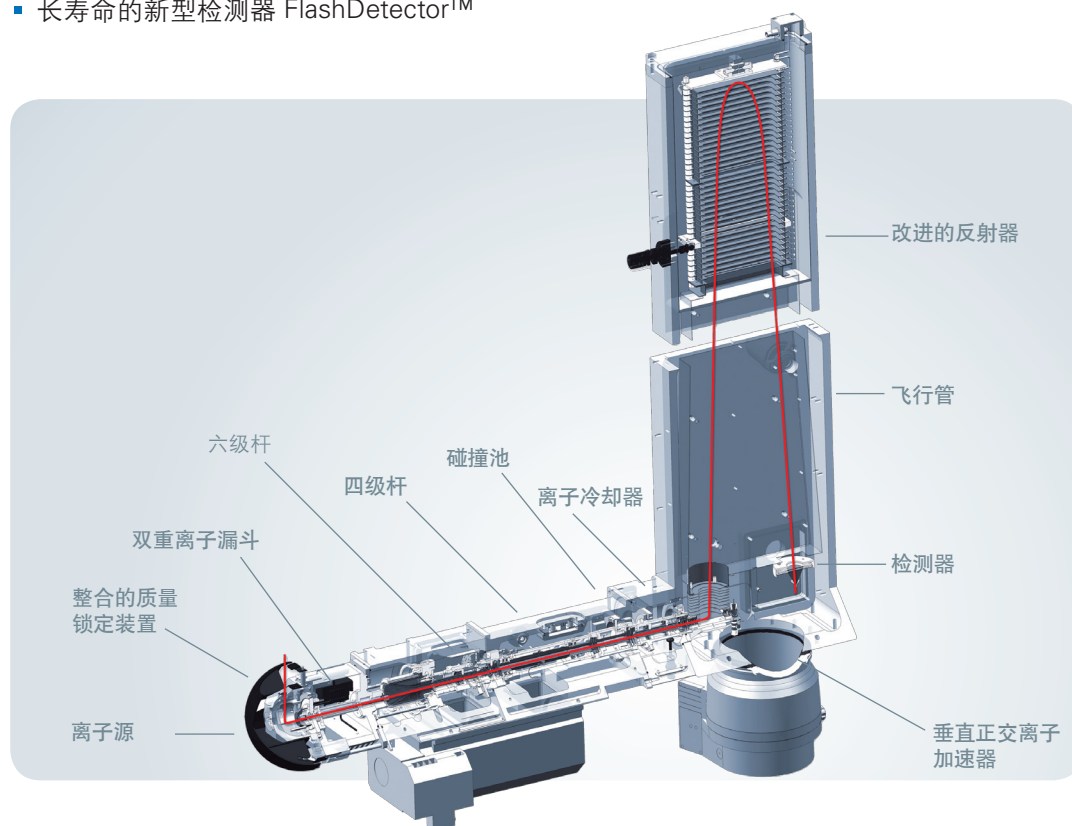
荷兰莱顿大学医学中心寄生虫学和生物分子质谱部主任**Andre M. Deelder**教授



● 领先质谱技术，超越您的期待

maXis超高分辨飞行时间质谱的突破性进展并非单纯依赖某一部件的改进，而是仪器的整体设计和工程学等方面大量基础技术的改善和创新的集中体现。

- 第三代离子冷却系统 (Ion Cooler™)
- 整合的质量锁定装置，保证可靠、稳定的内标校正
- 改进的反射器设计和性能，保证了非凡的全灵敏度高分辨性能
- 4 GHz 的数字转换器
- 长寿命的新型检测器 FlashDetector™



maXis 4G基本应用:

- 小分子化合物鉴定
- 蛋白质表征
- 定量蛋白质组学
- 生物标志物发现

轻松解决重要难题:

- 分子式确认
- 自上而下的完整蛋白序列测定
- 自上而下的全谱和定量分析
- 自下而上的多肽和翻译后修饰研究
- 蛋白质翻译后修饰位点确认

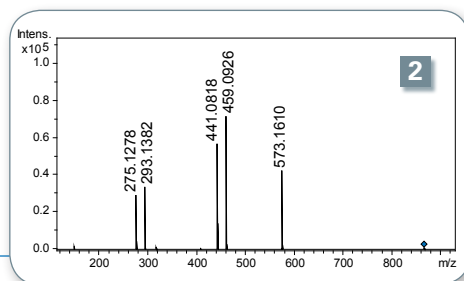
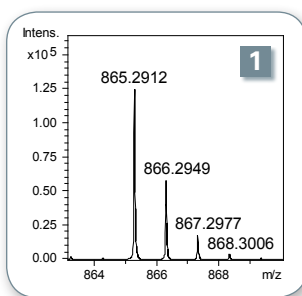
广泛的应用领域:

- 完整蛋白质分析
- 合成或天然化合物分子式确认
- 药物及其代谢产物的鉴定
- 杂质和降解产物的的分析
- 生物制药质量控制
- 代谢组学研究
- 农残和污染物检测
- 违禁药物及其代谢产物检测
- 脂和糖脂分析
- 糖和多糖分析
- 蛋白和多肽的鉴定及表征

高置信度的小分子分析

未知化合物的快速准确鉴定

maXis 4G不仅可提供高质量的二级质谱数据, 还可结合布鲁克公司独特的未知化合物分子式计算工具SmartFormula 3D™, 从而快速准确地确定样品中的未知化合物。maXis 4G与众不同的硬件设计在为您带来准确分子量的同时, 还能够获得不失真的同位素分布信息。因此, 在SmartFormula 3D™ 软件的辅助下, maXis 4G可以通过精确的一级和二级离子质量数以及准确的同位素分布信息, 在没有假定分子式或数据库信息的条件下推测出准确可信的分子式。



采用SmartFormula 3D推测分子式

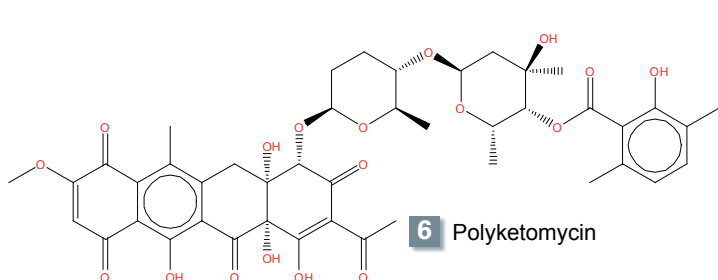
SumFormula	m/z calc	err[mDa]	err[ppm]	mSigma	eConf	Comb.mSigma
<input checked="" type="checkbox"/> C ₄₄ H ₄₉ O ₁₈	865.2913	0.1	0.2	10.1	even	11.6

SumFormula	SumFormula Loss	m/z Loss	Delta SF	m/z calc
<input type="checkbox"/> C ₂₈ H ₂₉ O ₁₃	C ₁₆ H ₂₀ O ₅	292.1302	C ₁₂ H ₁₀ O ₉	573.1603
<input type="checkbox"/> C ₂₂ H ₁₉ O ₁₁	C ₂₂ H ₃₀ O ₇	406.1986	C ₆ O ₇	459.0922
<input type="checkbox"/> C ₂₂ H ₁₇ O ₁₀	C ₂₂ H ₃₂ O ₈	424.2094		441.0816
<input type="checkbox"/> C ₁₆ H ₂₁ O ₅	C ₂₈ H ₂₈ O ₁₃	572.1530	H ₂ O	293.1384
<input type="checkbox"/> C ₁₆ H ₁₉ O ₄	C ₂₈ H ₃₀ O ₁₄	590.1634		275.1278

#	Compound	Compound ID	Database
1	1	found nothing	HMDB
2	2	found nothing	METLIN
3	[(2S,3R,4R,6S)-6-[(2R,3S,6S)-6-[[[(1S,...	4677656	ChemSpider

关于maXis 和 Smartformula 3D在药物研发中所涉及的结构分析方面的应用, 辉瑞制药全球研发总部的Don Richards博士评价:

“这正是我们一直期待着的质谱技术革新, 我们第一次能够得到这么准确的数据, 可以真正准确到小数点后第五位, 这大大提高了我们的生产力。”

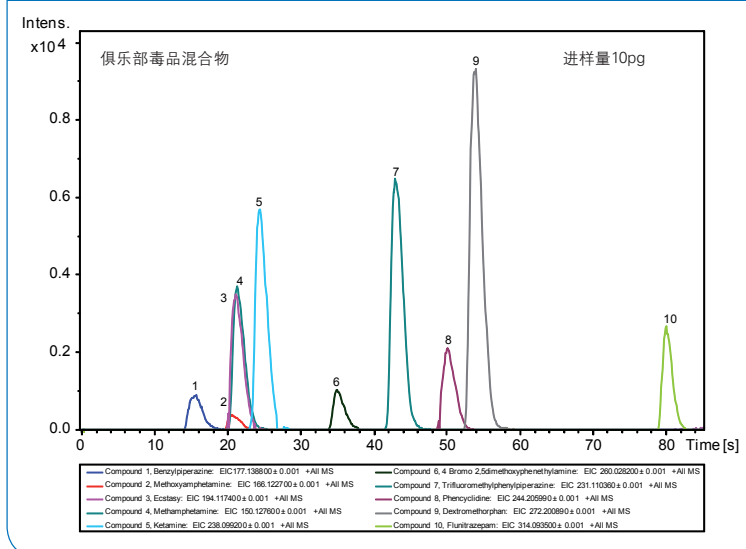


从微生物中获取的天然产物聚酮霉素的结构分析。(1) 聚酮霉素同位素峰分布模式: 所有同位素峰的准确度误差均小于1ppm。(2) 聚酮霉素的二级谱: 一级谱图和二级谱图经SmartFormula 3D™分析后, 得到唯一可能的分子式。(3) SmartFormula也可以分析得出所有碎片离子的分子式。(4) 经数据库检索化合物为聚酮霉素(5, 6)。

与现代分离技术并驾齐驱

现代色谱分离速度已经大大提高，这就要求质谱的分析速度能够与之匹配。maXis 4G的分析速度可以与最快的分离技术完全匹配。maXis 4G的谱图采集速度高达30 Hz，即使是最快的分离方法采集得到的狭窄的色谱峰，也能够采集到高质量的数据。

混合物样品组分的快速鉴定

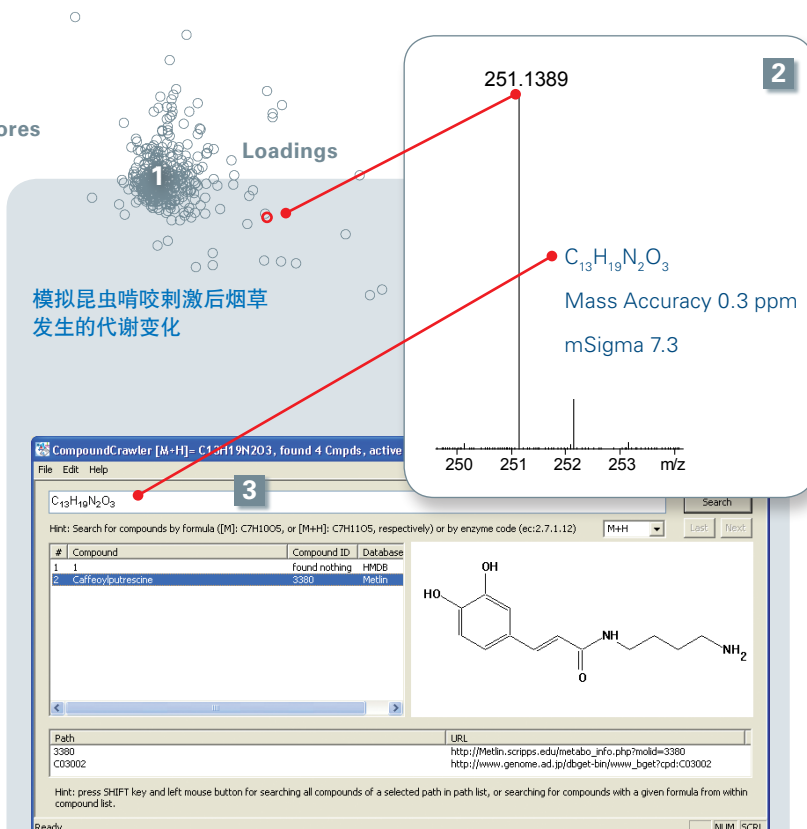


药物混合物的高分辨提取离子色谱图

在代谢组学中的应用

除了对统计分析的要求外，代谢组学研究的另一个关键要求是对有关化合物进行快速准确的鉴定。maXis 4G采用独特的超高分辨飞行时间质谱技术，具有超高的分辨率和质量准确度，是代谢组学研究的理想工具。

数据由德国耶拿Max Planck化学生态学研究所以T. Baldwin教授和M. Schöttner博士提供



参考文献

Development and validation of a liquid chromatography-electrospray ionization-time-of-flight mass spectrometry method for induced changes in *Nicotiana attenuata* leaves during simulated herbivory. E. Gaquerel, S. Heiling, M. Schoettner, G. Zurek, I.T. Baldwin
J Agric Food Chem. 2010 Sep 8;58(17):9418-27.

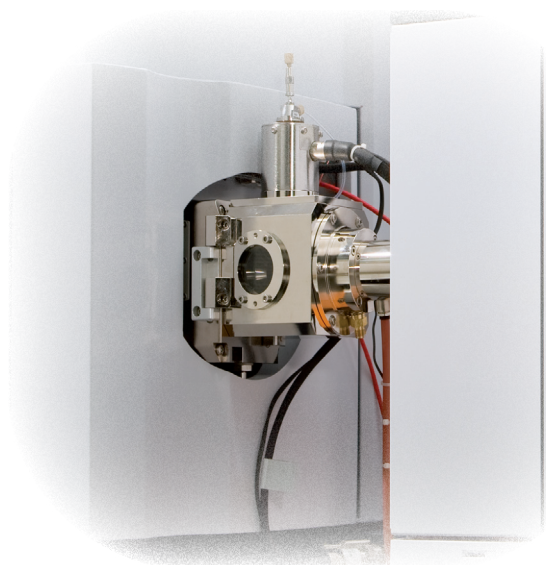
(1) 统计分析确定差异组份; (2) maXis 4G采集到的一级谱图以及SmartFormula推测的差异组份分子式; (3) 通过Compound Crawler软件进行快速准确地数据库检索确定化合物。[M+H]⁺ = C₁₃H₁₉N₂O₃的检索结果为Caffeoylputrescine。

扩展功能：连接GC和直接进样探针源

GC-APCI

全新设计的GC-APCI源能够用于超高分辨飞行时间质谱(UHR-TOF MS)与气相色谱和液相色谱联用。

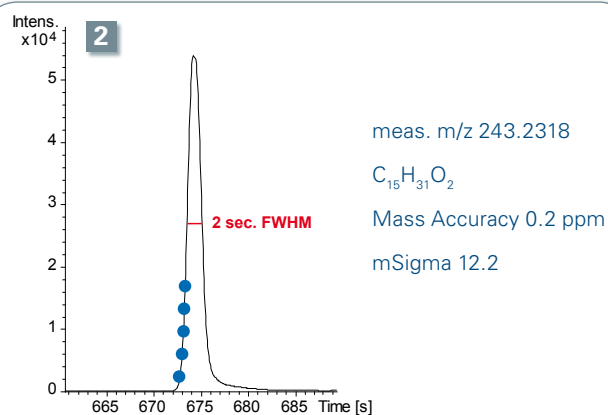
maXis 4G超高分辨飞行时间质谱提供的精确分子量和分辨能力拓宽了基于GC-MS分析的范畴。因为常规GC的半峰宽(FWHM)小于2秒,只有数据采集速度不小于20Hz才能满足常规GC分析的要求。下图为脂肪酸甲酯(FAME)的分析实例,展示了maXis 4G在极快的速度下依然可以获得极高的质量准确度和分辨率。利用SmartFormula™, GC-TOF-MS可以准确的获得化合物的分子式。



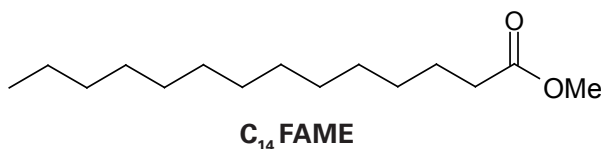
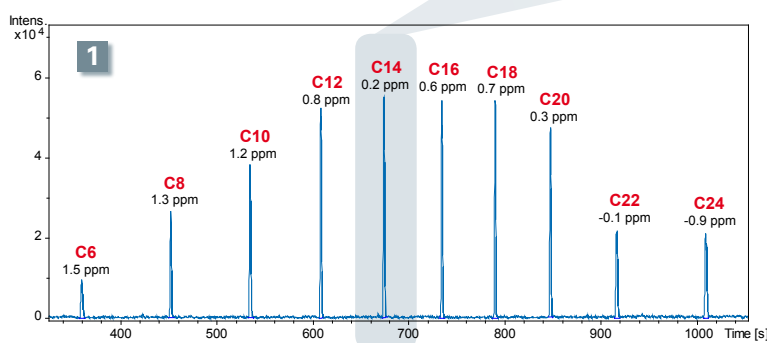
适用于固体样品的直接进样探针源



直接进样探针源可以方便直接地分析液体、固体和不溶解的样品。



GC速度下的准确质量鉴定化合物



脂肪酸甲酯(FAME)的GC-TOF-MS分析。(1) 0.5ng C6-C24 FAME的基峰离子流图, 标记为质量精度(误差ppm)和脂肪酸链长度。(2) C14 FAME的EIC图, 显示了maXis在20Hz的扫描速度下仍然能够达到1mDa的精确质量提取。

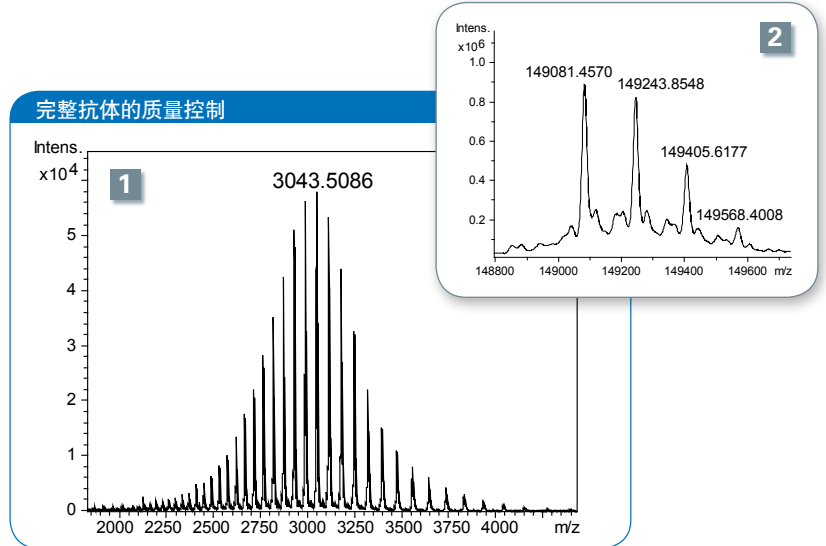
● 蛋白质鉴定和表征

生物制药质量控制: 完整蛋白分析

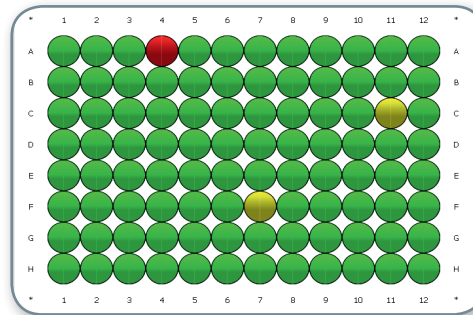
maXis 4G在高质量端同样具有超高的分辨率, 是分析各种大小完整蛋白的理想平台。对于中小蛋白, 可以测得其同位素峰形分布。对于大蛋白, 如抗体类, 可以给出优异的电荷分布模式并通过最大熵算法去卷积。结合酶解数据, 可以实现包括翻译后修饰在内的蛋白完整表征。

蛋白质鉴定和定量 (标记与非标记)

maXis 4G为蛋白分析提供了很好的灵敏度、稳定性、质量准确度和分辨率, 可以为复杂生物体系中得到的蛋白质提供精密准确的定量分析结果。利用Proteinscape™软件平台进行数据依赖和MS/MS目标母离子选择, 可以进一步提高样品中鉴定、定量、确证的多肽及蛋白质数量。

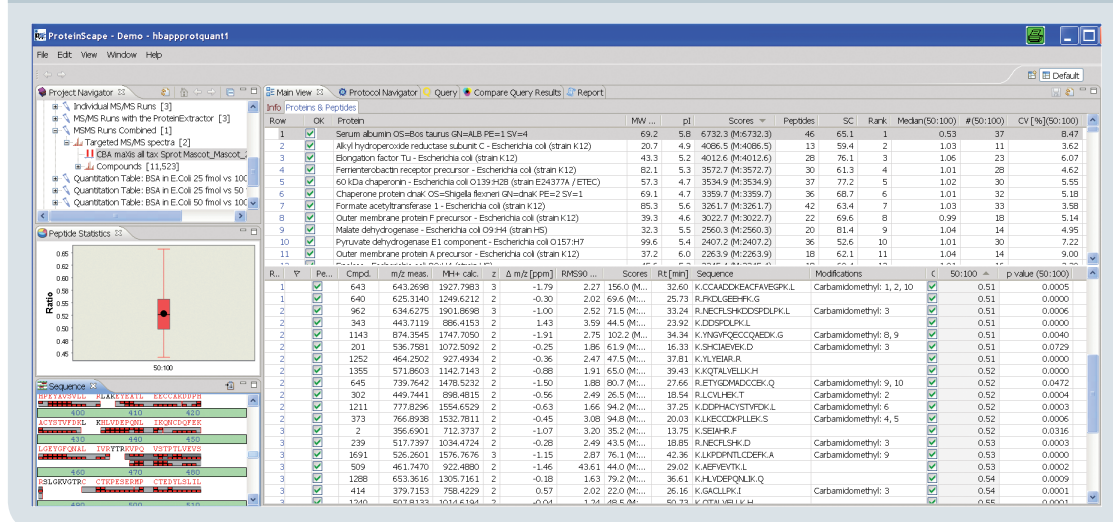


抗体IgG96经C8 HPLC柱脱盐处理后得到质荷比 m/z 2000到4500范围的电荷分布质谱图 (1)。通过极大熵算法去卷积得出完整抗体的质量和几个糖型 (2)。



BioPharma Compass软件概述: 软件完全自动化运行并比较样品与标准品之间的异同, 支持用户自定义质量控制标准, 自动生成报告。

ProteinScape支持标记和非标记定量技术



技术性能

尖端性能

- 前所未有的超高分辨率飞行时间质谱技术: UHR-TOF
- 卓越的质量准确度、分辨率和扫描速度的完美结合, 不损其一
- 四级杆前端的双重离子漏斗设计
- SmartFormula 3D-母离子和碎片离子的准确质量与真实同位素分布模式 (TIP™) 的创新性结合
- 超稳定的质量准确度和宽动态范围
- 离子冷却 (IonCooler™) 技术, 提供MS/MS 全扫描的质量
- 大小: 800 X 1320 X 2850 mm; 重量: 500 kg

可选离子源

- APCI 大气压化学电离源
- APPI 大气压光电离源
- 直接进样探针源
- 在线、离线纳升喷雾源
- CE/MS 毛细管电泳质谱联用接口, 采用接地的ESI 喷针
- 可与GC 直接相连的接口
- CryoSpray冷源

Compass 软件和应用软件包

- Compass 软件: 整合的LC-MS/MS 控制和数据处理软件
- SmartFormula 3D 模块: 分子式预测与确认
- MetaboliteTools™ 软件: 代谢物鉴定
- TargetAnalysis™ 软件: 用于化合物筛查
- ProteinScape™ 数据库系统: 蛋白质组项目管理
- Compass OpenAccess™ 仪器平台管理软件: 用于通过液质逐步得到分子式
- ProfileAnalysis™ 软件: 基于液质的全谱分析和蛋白质组学非标记定量

支持下列厂商的液相和进样系统: 布鲁克EASY-nLC、Advion 的TriVersa NanoMate、安捷伦、戴安、VWR/ 日立、沃特世(包括UPLC)、CTC自动进样器和Michrom液相。

本产品仅用于研究, 不能用于医疗诊断
For research use only. Not for use in diagnostic procedures.

● 布鲁克·道尔顿公司

网 址: www.bruker.com
电子邮件: ms@bruker.com.cn
服务热线: 800-810-2325

北京代表处

北京市海淀区中关村南大街11号
光大国信大厦5109室
邮编: 100081
电话: (010) 68474095/4093
传真: (010) 68474109

上海办事处

上海市漕河泾开发区桂平路418号
新园科技广场19楼
邮编: 200233
电话: 800-819-0181
400-619-8961

